

S84

16S rRNA塩基配列を同定を中心とした微生物学の研究にいかにか (東大・院・農学生命科学) ○小柳津広志、松木隆広

【目的】16S rRNAの塩基配列情報は、現在、微生物とりわけ細菌の同定において、最も簡便で迅速な手段となっている。しかし、16S rRNA配列による同定の精度は、一般的にはそれほど高くなく、塩基配列を解読するだけで種を特定できるわけではない。種を決定するには、他のDNA相同性試験などの化学分類学的特徴付けが必要である。16S rRNA配列は、単に同定、系統の研究に用いられるだけでなく、生態的研究にも大変役立っている。本発表では、16S rRNA塩基配列情報が細菌の識別、同定でどのように利用されているか、生態系での識別、同定も含めて報告する。

【考察と展望】自然界に生息する微生物、とりわけ細菌においては、認識されている種は生息する全種に対してごくわずかであると言われている。環境微生物学において、環境中に生息する菌を識別、同定することは、きわめて重要なこととなっている。このような研究で、16S rRNA配列は有力な同定手段として利用されてきた。このような研究で、特によく研究されたことは、自然界のサンプルからDNAおよびRNAを抽出し、これをクローン化するというものであり、もう一つが細胞内の16S rRNAをターゲットとしてIn situハイブリダイゼーションを行う手法である。しかし、諸外国でのこれまでの成果を見ると、16S rRNA配列情報が必ずしも十分に利用されているとは言えない。たとえば、16S rRNAをクローン化する方法では、DNAやRNAの収量が菌種によって異なったり、抽出した核酸から16S rRNAをPCRにより増幅する際に特定菌種のものが優先的に増幅されたり、さまざまなバイアスがかかってしまうため、自然界に存在する菌相を捕らえることが困難となっている。また、クローン化されたDNAはデータベースが多くの菌種を網羅していないことから、大部分が正確には同定されていない。また、In situハイブリダイゼーション法では、特定菌種に対するプローブの設計が困難で、たいへんおおざっぱな識別しかなされていない。

本発表では、当研究室で行ったメタン生成細菌、ヒト腸内に生息するBifidobacterium等の例を基に、細菌のIn vitroでの同定、識別がどの程度可能であるか、将来展望を含めて概説する。

Practical Use of 16S rRNA Sequence-based Identification in Applied and Environmental Microbiology

Hiroshi Oyaizu and Takahiro Matsuki

Graduate School of Agriculture and Agricultural Life Science,
University of Tokyo, Bunkyo-ku, Tokyo 113, Japan

【Key Words】 (Identification) (16S rRNA) (Bacteria)
(Microbial Ecology)